

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

247 erAsnLeuileAlaileValargCysPheTrpPheThrValGluSerGly 263
 :::
 356 CA.....ATTACTGGTTTACTGTGGAGTTGGG 384
 264 LeuileGluAsnHisGluGlyAlaGlyAlaGlyAlaValLeuileSe 280
 :::
 385 CTTTGAAGCAAGAGAGATTCTATAAGGCATATGGTGGCTGTGTC 434
 280 rSerProGlnGluGlyHisAlaPheLeuAsnValargValleup 297
 :::
 435 ATCCTTTGGAGAAATACAGTACTGTTTATCAGACAGCAAGCAAGCTCTGC 484
 297 roLeuGluLeuAspGln 302
 :::
 485 CCCTGGAGCTAGAGAG 501

seq_name: gb_est40:AV650135

seq_documentation_block:
 LOCUS AV650135 607 bp mRNA EST 07-SEP-2000
 DEFINITION AV650135 GIC Homo sapiens cDNA clone GLCCBF06 3', mRNA sequence.
 ACCESSION AV650135
 VERSION AV650135.1 GI:9871149
 KEYWORDS EST.
 SOURCE human.
 ORGANISM Homo sapiens
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
 Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 607)
 AUTHORS Qian, B., Wu, T., Huang, Q., Kang, B., Gao, X., Xu, Z., Xiao, H.,
 Xu, X., Li, N., Peng, Y., Liu, F., Qu, J., Song, H., Cheng, Z., Qu, J.,
 Zeng, L., Xu, S., Gu, M., Tu, Y., Jia, J., Fu, G., Ren, S., Zhong, M., Lu,
 G., Yang, Y., Gu, Y., Chen, Z., and Han, Z.
 TITLE Homo sapiens cDNA clone
 JOURNAL Unpublished (2000)
 COMMENT Contact: Zengqiang Han
 Chinese National Human Genome Center at Shanghai
 351 Guo Shoujing Road, Zhangjiang Hi-Tech Park, Pudong, Shanghai
 201203 P. R. China
 Tel: 86-21-50801919(ex.45)
 Fax: 86-21-50801922
 Email: hanzq@gench.sh.cn
 This clone is available at CHGC in Shanghai.

FEATURES
 source
 1..607
 /organism="Homo sapiens"
 /db_xref="taxon:9606"
 /clone="GLCCBF06"
 /clone_lib="GIC"
 /tissue_type="corresponding non cancerous liver tissue"
 /dev_stage="Adult"
 /lab_host="SOLR"
 /note="Vector: pBluescript sk(-); Site_1: EcoRI; Site_2:
 XhoI"

BASE COUNT 143 a 162 c 138 g 163 t 1 others
 ORIGIN
 alignment_scores:
 Quality: 210.50 Length: 207
 Ratio: 1.784 Gaps: 4
 Percent Similarity: 57.005 Percent Identity: 28.502

alignment_block:
 US-09-438-185-1047 x AV650135
 Align seg 1/1 to: AV650135 from: 1 to: 607

104 ArgAsnLeuTrpTrpArgLeuLeuSerSerArgPheSerLeuTrpLysSe 120
 :::
 34 AAGAAACATGGGCGACAGTGTCTCAGACTCTGAAGTCTCTGTATAAAC 83

120 rTyCysProArgPhePheLeuAspTyTrLeuGluAlaPheGlyLeuLeus 137
 :::
 84 CCATGCT.....TGCTATGAGTACAATCACATTTTCCACATCTCTTG 124
 137 erAspPheLeuAspHis.....GlnAlaVal 145
 :::
 125 AAAAGTACTGTGCTTCCATGAAGATAAATCCCCAGCTGGAAGAGCTT 174
 146 ILySPhePheGluLeuGluThrHisPheSerTyTyTrProValSerG1 162
 :::
 175 TCTCAGTTCTCGCAGACTTCCACTGGTTTCCGCTCCGACCTGTAGCTGG 224
 162 yPheValAlaProHisGlnTyTrLeuSerLeuGlnAspArgTyPheP 179
 :::
 225 CCHGCTTCTCTCGGATTTCTTGCGCTTCCGCTTCCGAGTCTTCC 274
 179 rolleAlaSerValMetArgThrLeuAspLysAspAsnPheSerLeuThr 195
 :::
 275 ACTGCACACAGTACATCAGACATGGATGCAAGCCCATATATACCCCGAA 324
 196 ProAspLeuileHisAspLeuGluGlyHisValProTrpLeuLeuHisPr 212
 :::
 325 CTTGACATCTGCCATGAGCTGTTGGGACATGTGCCCTGTGTTTTCAGATCG 374
 212 oSerPheSerGluPhePheIleAsnMetGlyArgLeuPheThrLysValI 229
 :::
 375 CAGCTTTGCCAGCTTTTCCAGGAAATGGC..... 405
 229 leGluLysValGlnAlaLeuProSerLysLysGlnArgIleGlnThrLeu 245
 :::
 406CTTGCCTCTCTGGGTGCACCTCATGATGATGATGAAAGCTC 447
 246 GlnSerAsnLeuileAlaIleValArgCysPheTrpPheThrValGluSe 262
 :::
 448 GCCACA.....ATTACTGGTTTACTGTGGAGTT 476
 262 rGlyLeuileGluAsnHisGluGlyArgLysAlaTyGlyAlaValleuI 279
 :::
 477 TGGCTCTCAACANGGACACCTCCATAAGGCATATGTCGTCGGCTCC 526
 279 leSerSerProGlnGluLeuGlyHisAlaPheIleAspAsnValargVal 295
 :::
 527 TGTATCTCTTGTGTAATACACTACTGCTTATCAGAGAAAGCAAGCTT 576
 296 LeuProLeuGluLeuAspGln 302
 :::
 577 CTCCTCCCTGGAGCTGGAGAG 597

seq_name: gb_est103:C93903

seq_documentation_block:
 LOCUS C93903 729 bp mRNA EST 08-JUN-1998
 DEFINITION C93903 Dictyostelium discoideum SS (M.Yoshida) Dictyostelium
 discoideum cDNA clone SSL848, mRNA sequence.
 ACCESSION C93903
 VERSION C93903.1 GI:3192312
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Dictyostelium discoideum.
 ORGANISM Dictyostelium discoideum
 Eukaryota; Mycetozoa; Dictyostellida; Dictyostelium.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 729)
 AUTHORS Yoshida, M.
 TITLE Developmental cDNA in Dictyostelium discoideum (M.Yoshida)
 JOURNAL Unpublished (1998)
 COMMENT Contact: Motonobu Yoshida
 Research Institute of Food Science
 Kinki University
 Nakamachi 3327, Nara 631, Japan
 Email: yoshida@ws06.nara.kindai.ac.jp
 Dictyostelium discoideum cDNA project in Japan.
 Location/Qualifiers
 1..729
 /organism="Dictyostelium discoideum"

```

/strain="AX4"
/db_xref="taxon:44689"
/clone_lib="dictyostelium discoidium SS (M.Yoshida)"
/dev_stage="slug"
BASE COUNT 257 a 121 c 112 g 239 t
ORIGIN
alignment_scores:
  Quality: 207.50 Length: 221
  Ratio: 1.687 Gaps: 5
  Percent Similarity: 55.656 Percent Identity: 27.602
alignment_block:
US-09-438-185-1047 x C93903
Align seg 1/1 to: C93903 from: 1 to: 729
33 GlnAlaValIleLysPheGluLeuGluThrHisPheSerTyTyPr 159
38 CAGGATATTCACACTTTTACAGAGATGTAAGTGGCGGTATTCGTC 87
159 ovalSerGlyPheValAlaProHisGlnTyLeuSerLeuGlnAspA 176
88 AGTCAAGGTTTACTCTCTCTGCGAGATTTCTTAAGGTTTACTTCC 137
176 rGlyPheProIleAlaSerValMetArgThrLeuAspLysAspA 192
138 GTGTATTCATGCACTCAATATATAGACATCCATCGTACCATATAT 187
193 SerLeuThrProAspLeuIleHisAspLeuGluHisValProTrpLe 209
188 ACACAGCAACAGATGTTGTGCATGAATATATAGTCAATGTTCCAT 237
209 uLeuHisProSerPheSerGluPhePheIleAsnMetGlyArgLeuPhe 226
238 GCGTATCTGATTCGCTGATTTAGTCAAGAGATGTTGTTT 277
226 hrLysValIleGluLysValGlnAlaLeuProSerLysLysGlnArgIle 242
278 .....TTAGCTTCAATTTGGTCTTCGATGATGATATTT 310
243 GlnThrLeuGlnSerAsnLeuIleAlaIleValArgCysPheTrpPheTh 259
311 CAATATTAGTACT.....TGTATTGTTTAC 339
359 rValGluSerGlyLeuIleGluAsnHisGluGlyArgLysAlaTyGlyA 276
340 AGTTGATTTGGATTTATGTAAGAAGGTGATACATATTAGGCGATATG 389
276 lValLeuIleSerSerProGlnGluLeuGluHisAlaPheIleAspAsn 292
390 CAGGTATTTATCAACAGCTGAATGGAAGACCTTTTACTGATATAA 439
293 ValArgValLeuProLeuGluLeuAspGlnIleIleArgLeuProPheAs 309
440 GCAGAAAAATACCATTTAAT.....CCATTTGA 468
309 nThrSerThrProGlnGluThrLeuPheSerIleArgHisPheAspGlu 325
469 CGCATGCAATGATGATATCAATATCAACATTTCAACACCTTTTACTATG 518
326 LeuValGluLeuThrSerLysLeuGluTrpMetLeuAspGlnGlyLeuLe 342
519 TTGCAGAAAGTTTCCAAAAGCAAGAAAGCAATGAGACAAATTTGCTGAT 568
342 uGlu.....SerIleProLeuTyAsnGlnG 351
569 AGCTTTAAAACCAATTTTCAATTCGTTACATCCATCCATCAATCAAT 618
351 lLysTyTrLeu 354
|||||

```

```

seq_name: gb_est9:AA596443
seq_documentation_block: 596 bp mRNA EST 19-SEP-1997
LOCUS AA596443 Stragene mouse Tcell 937311 Mus musculus cDNA clone
DEFINITION IMAGE:1002262 5' similar to gb:J04758 Mouse tryptophan hydroxylase
(MOUSE);, mRNA sequence.
ACCESSION AA596443
VERSION AA596443.1 GI:2411878
KEYWORDS house mouse.
SOURCE EST.
ORGANISM Mus musculus
Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 596)
AUTHORS Marra,M., Hillier,L., Allen,M., Bowles,M., Dietrich,N., Dubuque,T.,
Geisel,S., Kucaba,T., Lacy,M., Le,M., Martin,J., Morris,M.,
Schellenberg,K., Steptoe,M., Tan,F., Underwood,K., Moore,B.,
Theising,B., Wylie,T., Lennon,G., Soares,B., Wilson,R. and
Waterston,R.
TITLE The WashU-HHMI Mouse EST Project
JOURNAL Unpublished (1996)
COMMENT Contact: Marra M/Mouse EST Project
WashU-HHMI Mouse EST Project
Washington University School of Medicine
4444 Forest Park Parkway, Box 8501, St. Louis, MO 63108
Tel: 314 286 1800
Fax: 314 286 1810
Email: mouseest@wustl.edu
This clone is available royalty-free through LLNL; contact the
IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
MGI:566478
Seq primer: -28ml3 rev1 ET from Amersham
High quality sequence stop: 447.
Location/Qualifiers
1..596
/organism="Mus musculus"
/db_xref="taxon:10090"
/clone_image="IMAGE:1002262"
/clone_lib="Stragene mouse Tcell 937311"
/tissue_type="Tcell"
/dev_stage="M30 CD4+ cells"
/lab_host="SOLR (kanamycin resistant)"
/note="Organ: blood; Vector: pBluescript SK-; Site:1.
ECORI; Site:2: XhoI; Cloned unidirectionally. Primer:
Oligo dt. M30 CD4+ cells. Average insert size: 1.0 kb;
Uni-ZAP XR Vector; -5' adaptor sequence: 5' GAATTCGACGAG
3' -3' adaptor sequence: 5' CTCGAGTTTTTTTTTTT 3'."
BASE COUNT 147 a 154 c 140 g 155 t
ORIGIN
alignment_scores:
  Quality: 205.00 Length: 155
  Ratio: 2.228 Gaps: 4
  Percent Similarity: 59.355 Percent Identity: 34.839
alignment_block:
US-09-438-185-1047 x AA596443
Align seg 1/1 to: AA596443 from: 1 to: 596
156-SerTyTyProValSerGlyPheValAlaProHisGlnTyLeuSerLe 172
|||||
2 TCCATCCGCTCTGTGGTGGTACTCTCACCAGAGATTTCTCTCGG 51
172 uLeuGlnAspArgTyPheProIleAlaSerValMetArgThrLeuAspL 189
|||||
52 GTTAGCCCTTTCGAGTCTTTCACTGCATCAGTATGTGAGACACATTCAG 101
189 ysAspAsnPheSerLeuThrProAspLeuIleHisAspLeuGlyHis 205
|||||

```


[illegible]

Thu Jul 5 11:24:06 2001

```

alignment_scores:
  Quality: 184.50      Length: 198
  Ratio: 1.577        Gaps: 6
  Percent Similarity: 59.091  Percent Identity: 29.293

alignment_block:
US-09-438-185-1047 x AA880857

Align seg 1/1 to: AA880857 from: 1 to: 592

108 TyrArgLeuLeuSerSerArgPheLeuTrpLysSerTyrCysProAr 124
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
5  TTCAGAGTCTGTAACACCTTGATATAACACATGCTGCTAGCAGACAA 54
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
124 gPhePheLeuAspTyrLeuGluAlaPhe...GlyLeuLeuSerAspPheL 140
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
55  CCACATCTCCCTCTCTGTAAGAGTACTGCGGTTTCCGTGAAGACAACA 104
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
140 euAspHis...GlnAlaValIleGlyPhePheGluLeuGluThrHisPhe 155
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
105 TCCGCGAGCTGGAAGATGTTCTCAGTTTCTGCAGACTTGTACTGGTTTC 154
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
156 SerTyrTrpProValSerGlyPheValAlaProHisGlnTyrLeuSerLe 172
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
155 CGCTCCGCTCTGTTGCTGCTTACTGCTGCTCGAGATTCTTGGGTGG 204
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
172 uLeuGlnAspArgTyrPheProIleAlaSerValMetArgThrLeuAspL 189
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
205 CCTGGCAATTCGAGTCTTCCACTGCACACAGTACATAGCATGGATCTA 254
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
189 ysAspAsnPheSerLeuThrProAspLeuIleHisAspLeuGlyHis 205
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
255 AGCCCATGTACACACCTGAACTGATATCTGCTGCTGCTGGACAT 304
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
206 ValProTrpLeuLeuHisProSerPheSerGluPhePheIleAsnMetGl 222
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
305 GTGCCCTTTGTTTCAGATPAGAAGCTTTGCCCGAGTTTCTCAGGAATGG 354
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
222 yArgLeuPheThrLysValIleGluLysValGlnAlaLeuProSerLysL 239
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
355 G.....CTTGCATCGCTGGGCGACCTG 377
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
239 ysGlnArgIleGlnThrLeuGlnSerAsnLeuIleAlaIleValArgCys 255
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
378 ATGAGTACATTGAGAACTGGCCACA.....ATT 406
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
356 PheTrpPheThrValGluSerGlyLeuIleGluAsnHisGluGlyArgLy 272
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
407 TACTGTTTACTGTGGAGTTGGGCTTTGCAAGGAAGAGATCTATAAA 456
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
272 sAlaTyrGlyAlaValLeuIleSerSerProGlnGluLeuGlyHisAla. 288
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 GGCATATGCTGCTGNGCTCTTGTCTCATCTTGGAGAATACAGT...ACTG 503
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
289 PheIleAsnValArgValLeuProLeuGluLeuAspGln 302
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
504 TTTATCAGACAGCCCAAGTCTGCCNTGGAGCTAGAGAAG 545
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```